

# APLIKASI METODE MATRIKS GENERASI DALAM MENENTUKAN NILAI $R_0$ MODEL MATEMATIKA PENYEBARAN VIRUS HIV/AIDS

Septiangga Van Nyek Perdana Putra<sup>1)</sup>, Kasbawati<sup>2)</sup>, Syamsuddin Toaha<sup>3)</sup>

<sup>1)</sup>Mahasiswa Jurusan Matematika, Universitas Hasanuddin, Jalan Perintis Kemerdekaan Km. 10 Makassar, kode Pos 90245

<sup>2), 3)</sup>Dosen Jurusan Matematika, Fakultas MIPA, Universitas Hasanuddin, Jalan Perintis Kemerdekaan Km. 10 Makassar, kode Pos 90245

## ABSTRAK

AIDS merupakan penyakit yang disebabkan oleh virus HIV yang menimbulkan pandemi pada manusia. Model SIPTA digunakan untuk menjelaskan interaksi antara populasi manusia *susceptible* (*S*) terhadap populasi manusia *infected* (*I*), *Pre-AIDS* (*P*), *Treatment* (*T*), dan *AIDS* (*A*). Interaksi tersebut kemudian dimodelkan dalam bentuk sistem persamaan diferensial. Titik kesetimbangan model meliputi titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan endemi. Hasil analisis kestabilan menunjukkan bahwa kestabilan pada sistem dipengaruhi nilai bilangan reproduksi dasar  $R_0$ . Ketika  $R_0 < 1$  maka titik kesetimbangan bebas penyakit stabil, ketika  $R_0 > 1$  titik kesetimbangan endemi stabil. Tingkat sensitivitas dari  $R_0$  dipengaruhi oleh beberapa parameter. Nilai dari  $R_0$  akan monoton turun ataupun monoton naik tergantung pada besar nilai parameter pasangan seksual dan kontak seksual. Untuk mereduksi penyebaran virus HIV/AIDS, parameter yang harus dikendalikan adalah parameter pasangan seksual dan juga laju interaksi kontak seksual.

Kata kunci: HIV/AIDS, Model Matematika, Analisis Kestabilan, Matriks Generasi, Simulasi Numerik.

## 1. PENDAHULUAN

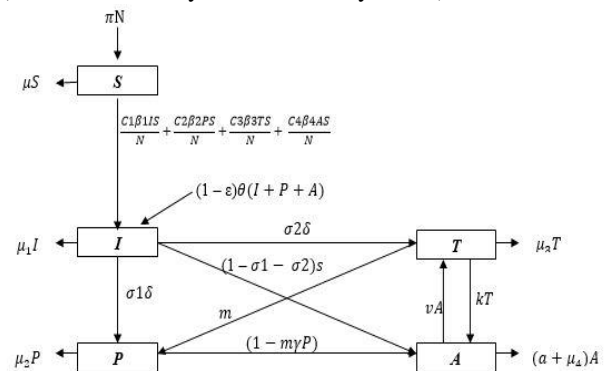
Perkembangan dan kemajuan dunia modern saat ini tidak bisa dipisahkan dari matematika. Hampir seluruh aktivitas manusia berkaitan dengan matematika. Matematika digunakan dalam bidang ilmu pengetahuan alam, rekayasa medis dan ilmu pengetahuan sosial seperti ekonomi dan psikologi. Peran matematika pada masalah kehidupan sehari-hari maupun pada ilmu-ilmu lain disajikan dalam pemodelan matematika. Representasi matematika yang dihasilkan dari pemodelan matematika di kenal sebagai model matematika.[1]

Dalam model-model matematika seringkali ditemui persamaan diferensial. Persamaan diferensial merupakan cabang dari matematika yang berperan dalam pengenalan konsep dan pemecahan masalah yang berkaitan dengan dunia nyata. Kebanyakan masalah-masalah yang muncul di dalam persamaan diferensial adalah bagaimana menemukan

solusi eksak (analitik) dari model-model matematika yang diperoleh dari masalah nyata. Salah satu masalah yang dapat dimodelkan dengan persamaan diferensial adalah penyebaran virus HIV/AIDS. [2]

Penyebaran virus HIV/AIDS telah menjadi pandemi pada populasi manusia. Untuk mengontrol penyebaran virus HIV/AIDS, dilakukan analisis kestabilan. Dengan menggunakan software Maple perilaku penyebaran virus HIV/AIDS dapat digambarkan melalui simulasi numerik dengan nilai-nilai parameter yang berbeda.

Dalam Gambar 1.1, diberikan diagram kompartemen dari penyebaran virus HIV/AIDS yang dimodelkan (Narasimhamurthy dan Leelavathy, 2012).



**Gambar 1.1.** Diagram kompartemen penyebaran virus HIV/AIDS.

## 2. TINJAUAN PUSTAKA

### 2.1 Virus HIV/AIDS

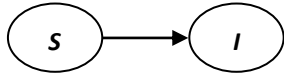
Virus HIV membutuhkan waktu sekitar 5-10 tahun sampai menjadi AIDS. Selama kurun waktu tersebut, ada beberapa tahapan infeksi hingga HIV kemudian berkembang menjadi AIDS. Tahapan-tahapan perkembangan HIV yaitu :

1. Tahap Pertama (Periode Jendela)
2. Tahap Kedua (Perkembangan virus)
3. Tahap Ketiga (Penurunan sistem imun).
4. Tahap Keempat (AIDS).

## 2.2 Model Epidemiologi

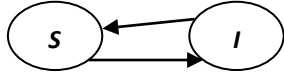
Pada tahun 1927, Kermack dan Mc Kendrick membuat sebuah perumusan model sederhana, yang diprediksi sangat mirip dengan keadaan yang diamati pada banyaknya epidemik. Model Kermack dan McKendrick adalah model kompartemen yang didasarkan pada asumsi sederhana dengan laju yang berbeda antar kelas dari suatu populasi. Untuk model epidemik, populasi dibagi ke dalam 3 kompartemen yaitu,  $S$ ,  $I$  dan  $R$ .  $S$  menunjukkan jumlah individu yang *susceptible* (sub populasi yang rentan terkena penyakit).  $I$  menunjukkan jumlah individu yang *infected* (sub populasi yang terjangkiti virus dapat menyebarkan virus tersebut).  $R$  menunjukkan jumlah individu *recovered* (sub populasi yang telah sembuh dari penyakit). Adapun contoh-contoh model epidemiologi yaitu :

- Model  $SI$ , pada model ini individu yang terinfeksi tidak dapat di sembuhkan.



Gambar 2.1 Diagram kompartemen  $SI$

- Model  $SIS$ , pada model ini individu yang terinfeksi sembuh tapi tidak memiliki kekebalan imun setelah sembuh.



Gambar 2.2 Diagram kompartemen  $SIS$

- Model  $SIR$ , pada model ini individu yang terinfeksi sembuh dengan kekebalan imun yang tetap sehingga individu tidak akan terinfeksi kembali.



Gambar 2.3 Diagram kompartemen  $SIR$

## 2.3 Persamaan Diferensial

Persamaan diferensial adalah persamaan matematika untuk fungsi satu variabel atau lebih, yang menghubungkan nilai fungsi itu sendiri dan turunannya dalam berbagai orde. Persamaan diferensial memegang peranan penting dalam rekayasa, fisika, medis dan berbagai macam disiplin ilmu lainnya.

**Definisi 1** Diberikan sistem persamaan diferensial

$$\dot{x}_1 = f_1(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n)$$

$$\dot{x}_2 = f_2(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n)$$

⋮

$$\dot{x}_n = f_n(x_1, x_2, x_3, \dots, x_n)$$

Sistem persamaan di atas dapat ditulis sebagai

$$\dot{\mathbf{x}} = \mathbf{f}(\mathbf{x}) \quad (2.1)$$

dengan  $\mathbf{x} = (x_1, x_2, x_3, \dots, x_n) \in E \subset \mathbb{R}^n$

$$\mathbf{f} = (f_1, f_2, f_3, \dots, f_n)^T \in \mathbb{R}^n$$

dan

kondisi

awal

$$\mathbf{x}(t_0) = \mathbf{x}_0 = (x_{10}, x_{20}, x_{30}, \dots, x_{n0}) \in E \quad \text{maka}$$

notasi  $\mathbf{x}_t = \mathbf{x}(\mathbf{x}_0, t)$  merupakan solusi sistem (2.1) yang di mulai dari  $\mathbf{x}_0$ .

**Definisi 2** Diberikan sistem persamaan diferensial linier

$$\dot{x}_1 = a_{11}x_1 + a_{12}x_2 + a_{13}x_3 + \dots + a_{1n}x_n$$

$$\dot{x}_2 = a_{21}x_1 + a_{22}x_2 + a_{23}x_3 + \dots + a_{2n}x_n$$

⋮

$$\dot{x}_n = a_{n1}x_1 + a_{n2}x_2 + a_{n3}x_3 + \dots + a_{nn}x_n$$

sistem persamaan di atas dapat ditulis dalam bentuk

$$\dot{\mathbf{x}} = B\mathbf{x} \quad (2.2)$$

dimana  $B$  adalah matriks berukuran  $n \times n$ , yaitu

$$B = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & \dots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \dots & a_{2n} \\ a_{31} & a_{32} & \dots & a_{3n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & a_{n2} & \dots & a_{nn} \end{bmatrix}$$

Suatu sistem persamaan diferensial dikatakan nonlinier apabila sistem tersebut tidak dapat dinyatakan dalam bentuk sistem (2.2).

## 2.4 Titik Ekuilibrium

Titik ekuilibrium adalah suatu kondisi dari suatu sistem yang tidak berubah terhadap waktu.

**Definisi 3** Sebuah titik  $\bar{\mathbf{x}}$ ,  $\bar{\mathbf{x}} \in \mathbb{R}^n$  dikatakan titik ekuilibrium sistem (2.1) jika memenuhi  $\mathbf{f}(\bar{\mathbf{x}}) = 0$ .

**Definisi 4** Diberikan fungsi  $\mathbf{f} = (f_1, f_2, f_3, \dots, f_n)$  pada sistem (2.1). Maka matriks  $J$  dari fungsi  $\mathbf{f}$  di titik  $\bar{\mathbf{x}}$ , yaitu

$$J = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1}(\bar{\mathbf{x}}) & \frac{\partial f_1}{\partial x_2}(\bar{\mathbf{x}}) & \dots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n}(\bar{\mathbf{x}}) \\ \frac{\partial f_2}{\partial x_1}(\bar{\mathbf{x}}) & \frac{\partial f_2}{\partial x_2}(\bar{\mathbf{x}}) & \dots & \frac{\partial f_2}{\partial x_n}(\bar{\mathbf{x}}) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1}(\bar{\mathbf{x}}) & \frac{\partial f_n}{\partial x_2}(\bar{\mathbf{x}}) & \dots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n}(\bar{\mathbf{x}}) \end{pmatrix}$$

Matriks  $J$  merupakan metode yang umumnya digunakan untuk mendapatkan bentuk linier dari sistem nonlinier di sekitar titik ekuilibrium sistem. Matriks tersebut dikatakan bentuk linier dari sistem (2.1) di sekitar titik  $\bar{x}$  ketika  $\dot{\mathbf{x}} = J$ .

**Definisi 5** Jika  $A$  adalah matriks  $n \times n$ , maka vektor tak nol  $\mathbf{x}$  di  $R^n$  dinamakan vektor eigen dari  $A$ . Jika  $A\mathbf{x}$  adalah kelipatan skalar dari  $\mathbf{x}$  yakni

$$A\mathbf{x} = \lambda\mathbf{x}.$$

untuk suatu skalar  $\lambda$  yang dinamakan eigen value (nilai eigen) dari  $A$  dan  $\mathbf{x}$  dikatakan vektor eigen (eigen vector) yang bersesuaian dengan  $\lambda$ .

Untuk mencari nilai eigen dari matriks  $A$  dapat dituliskan kembali

$$A\mathbf{x} = \lambda I\mathbf{x}.$$

Karena  $I$  suatu matriks identitas jadi  $A\mathbf{x} = \lambda\mathbf{x}$  memiliki nilai yang sama dengan  $A\mathbf{x} = \lambda I\mathbf{x}$  dan ekuivalen dengan

$$(\lambda I - A)\mathbf{x} = 0.$$

sehingga diperoleh persamaan karakteristik dari matriks  $A$ , yaitu

$$\det(\lambda I - A) = 0.$$

**Definisi 6** Polinomial karakteristik dari matriks  $A$  adalah  $P_A(\lambda)$ . Yang didefinisikan sebagai

$$P_A(\lambda) = \det(\lambda I - A) = \lambda^n + C_1\lambda^{n-1} + \dots + C_n.$$

## 2.5 Kestabilan Titik Keseimbangan

Kestabilan titik keseimbangan  $\bar{x}$  dapat ditentukan dengan memperhatikan nilai-nilai eigen dari persamaan karakteristik matriks  $J$ .

**Definisi 7** Diberikan matriks jacobian  $J$  dari sistem (2.1) dengan nilai eigen  $\lambda$ . Dari nilai eigen  $\lambda$  ini akan dilihat bahwa sistem akan

1. Stabil, jika
  - a.  $\lambda_i < 0$  untuk setiap  $i$ ,
  - b.  $\lambda_j = 0$  untuk sebarang  $j$ ,  $j \neq i$ .
2. Tidak stabil, jika terdapat paling sedikit satu nilai eigen matriks  $J$  bernilai positif  $\lambda_i > 0$ .

## 2.6 Matriks Generasi dan Bilangan Reproduksi Dasar

Misalkan  $\mathcal{F}_i(x)$  menyatakan laju kemunculan infeksi baru dalam kompartemen  $i$ ,  $V_i^+(x)$  menyatakan laju perpindahan individu ke dalam kompartemen  $i$ , dan  $V_i^-(x)$  menyatakan laju perpindahan individu keluar dari kompartemen  $i$ . Perhatikan bahwa  $\mathcal{F}_i$  terdiri dari infeksi baru dari *susceptible* dan *recovered* sedangkan  $V_i$  mencakup perpindahan individu-individu terinfeksi dari satu kompartemen terinfeksi ke kompartemen yang lain. Hal ini diasumsikan bahwa setiap fungsi

terdiferensialkan secara kontinu paling sedikit dua kali dalam setiap variabel. Akibatnya model penyebaran penyakit dapat dinyatakan dengan sistem persamaan berikut :

$$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - V_i(x), \quad (2.3)$$

Fungsi  $f_i(x)$  memenuhi asumsi-asumsi (A1 – A5) berikut.

- (A1) Karena setiap fungsi mewakili perpindahan langsung pada individu-individu, maka semua variabel bernilai tak negatif. Dengan demikian, jika  $x \geq 0$  maka  $\mathcal{F}_i, V_i^+, V_i^- \geq 0$  untuk  $i = 1, 2, \dots, n$ .
- (A2) Jika suatu kompartemen kosong, maka tidak ada perpindahan individu keluar dari kompartemen, baik melalui kematian, infeksi, maupun dengan cara lain. Dengan demikian, jika  $x_i = 0$  maka  $V_i^- = 0$ . Secara khusus, jika  $x \in X_s$  maka  $V_i^- = 0$  untuk  $i = 1, 2, \dots, m$ .
- (A3) Infeksi pada kompartemen tak terinfeksi adalah nol, yaitu  $\mathcal{F}_i = 0$  jika  $i > m$ .
- (A4) Untuk memastikan bahwa sub ruang bebas penyakit adalah invarian, diasumsikan bahwa jika populasi bebas dari penyakit maka selamanya populasi akan tetap bebas dari penyakit. Artinya tidak ada imigrasi individu yang terinfeksi. Jika  $x \in X_s$  maka  $\mathcal{F}_i(x) = 0$  dan  $V_i^+(x) = 0$  untuk  $i = 1, 2, \dots, m$ .
- (A5) Kondisi selanjutnya didasarkan pada turunan  $f$  disekitar titik keseimbangan tak endemik (bebas penyakit). Untuk tujuan ini, didefinisikan titik keseimbangan tak endemik (2.3) menjadi titik keseimbangan yang stabil dari model bebas penyakit, dengan kata lain (2.3) terbatas ke  $X_s$ . Anggap suatu populasi di sekitar titik keseimbangan tak endemik  $x_0$ . Jika populasi tetap di sekitar titik keseimbangan endemik, maka populasi akan kembali ke titik keseimbangan tak endemik berdasarkan sistem linear.

$$\dot{x} = Df(x_0)(x - x_0), \quad (2.4)$$

dengan  $Df(x_0)$  adalah turunan  $[\partial f_i / \partial x_j]$  pada titik keseimbangan tak endemik. Bentuk tersebut disebut sebagai matriks Jacobi. Perhatian dibatasi untuk sistem di mana titik keseimbangan bebas penyakit stabil dalam ketiadaan infeksi baru. Artinya, jika  $\mathcal{F}(x)$  himpunan bernilai nol maka semua nilai eigen  $Df(x_0)$  memiliki bagian riil yang negatif.

**Lemma 2.1.** Jika  $x_0$  adalah suatu titik kesetimbangan bebas penyakit dari (2.3) dan  $f_i(x)$  memenuhi (A1) – (A5) maka  $D\mathcal{F}(x_0)$  dan  $DV(x_0)$  dapat dipartisi menjadi

$$D\mathcal{F}(x_0) = \begin{pmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix},$$

$$DV(x_0) = \begin{pmatrix} \mathbb{V} & 0 \\ J_3 & J_4 \end{pmatrix},$$

dengan  $F$  dan  $\mathbb{V}$  adalah matriks  $m \times m$  yang didefinisikan oleh

$$F = \left[ \frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j}(x_0) \right] \text{ dan } \mathbb{V} = \left[ \frac{\partial V_i}{\partial x_j}(x_0) \right], 1 \leq i, j \leq m.$$

Matriks  $F$  adalah matriks tak negatif, dan matriks  $\mathbb{V}$  adalah  $M$ -matriks tak singular.

Misalkan  $F$  dan  $\mathbb{V}$  adalah matriks yang memenuhi Lemma 2.1, maka  $F\mathbb{V}^{-1}$  adalah matriks *next generation* untuk model yang didefinisikan (2.3). Anggap suatu individu terinfeksi yang diperkenalkan ke dalam kompartemen  $k$  dari suatu populasi bebas penyakit.  $\mathbb{V}^{-1}$  menyatakan rata-rata panjang waktu yang dibutuhkan individu dalam kompartemen  $j$  selama waktu hidupnya, asumsikan bahwa populasi tetap di sekitar titik kesetimbangan bebas penyakit dan menghalangi infeksi kembali.  $F$  menyatakan laju individu terinfeksi pada kompartemen  $j$  yang menghasilkan infeksi baru pada kompartemen  $i$ . Akibatnya,  $F\mathbb{V}^{-1}$  menyatakan nilai harapan infeksi baru pada kompartemen  $i$  yang dihasilkan oleh individu terinfeksi mula-mula yang diperkenalkan ke dalam kompartemen  $k$ .

Misalkan diberikan suatu model epidemik, yang secara umum dituliskan sebagai berikut :

$$\begin{aligned} \frac{dX}{dt} &= f(X, Y, Z) \\ \frac{dY}{dt} &= g(X, Y, Z) \\ \frac{dZ}{dt} &= h(X, Y, Z) \end{aligned} \quad (2.5)$$

Dengan  $X \in R^r$ ,  $Y \in R^s$ ,  $Z \in R^n$ ,  $r, s, n \geq 0$ , dan  $h(X, 0, 0) = 0$ .

Komponen  $X$  memuat subpopulasi individu yang *susceptible* atau sembuh (*recover*). Komponen  $Y$  memuat subpopulasi individu yang terinfeksi (dalam masa inkubasi). Dan Komponen  $Z$  memuat subpopulasi individu yang terinfeksi dan dapat mentransmisikan penyakit (dalam masa menular). Misalkan  $E_0 = (X^*, 0, 0) \in R^{r+s+n}$  adalah titik equilibrium yang bebas penyakit, maka  $f(X^*, 0, 0) = g(X^*, 0, 0) = h(X^*, 0, 0) = 0$ . Diasumsikan  $g(X^*, Y, Z) = 0$  yang secara implisit fungsi  $Y = \hat{g}(X^*, Z)$ . Misalkan  $A = D_Z h(X^*, \hat{g}(X^*, 0), 0)$ , yang diasumsikan dapat dituliskan dalam bentuk  $A = F - \mathbb{V}$ , dengan  $F \geq 0$  ( $m_{i,j} \geq 0$ ) dan  $\mathbb{V} > 0$  adalah

sebuah matriks diagonal. Batas spektral dari matriks  $A$  ditunjukkan oleh  $m(A) = \sup\{Re\lambda : \lambda \in \sigma(A)\}$ , dengan  $Re\lambda$  adalah bagian real dari  $\lambda$ , sedangkan  $\rho(A) = \lim_{n \rightarrow \infty} \|A^n\|^{\frac{1}{n}}$  menyatakan radius spektral dari  $A$ . Sesuai pembahasan Diekmaan dkk (1990), didapatkan hasil ,

$$m(A) < 0 \Leftrightarrow \rho(F\mathbb{V}^{-1}) < 1$$

atau,

$$m(A) > 0 \Leftrightarrow \rho(F\mathbb{V}^{-1}) > 1$$

Bilangan reproduksi dasar dinyatakan sebagai

$$\mathcal{R}_0 = \rho(F\mathbb{V}^{-1}) \quad (2.6)$$

yaitu nilai eigen dominan dari matriks *next generation*  $F\mathbb{V}^{-1}$ .

## 2.7 Model Epidemiologi Virus HIV/AIDS

Model *SI* digunakan untuk menggambarkan penyebaran virus HIV/AIDS. Hal ini dikarenakan individu yang telah terjangkit HIV/AIDS tidak dapat disembuhkan. Namun pada kasus HIV/AIDS terdapat beberapa tahapan sebelum HIV berubah menjadi AIDS, beberapa tahapan itulah yang disebut sebagai *P (Pre-AIDS)*. Individu yang terjangkit HIV/AIDS memang tidak dapat disembuhkan, namun dapat diberikan perawatan guna menekan laju perkembangan virus HIV sebelum menjadi AIDS, tahap perawatan inilah yang disebut sebagai *T (Treatment)*. Setelah individu yang terinfeksi virus HIV melewati tahap *Pre-AIDS* serta mendapatkan perawatan ataupun tidak mendapatkan perawatan, maka individu tersebut akan mengidap penyakit AIDS. Sehingga dalam penggambaran penyebaran virus HIV/AIDS ditambahkan tiga buah kompartemen baru yaitu, kompartemen *P (Pre-AIDS)*, *T (Treatment)*, dan *A (AIDS)*. Untuk bentuk diagram kompartemenya, dapat dilihat seperti pada Gambar 1.1.

Kondisi awal dari penyebaran virus HIV/AIDS adalah  $S(0) = S_0$ ,  $I(0) = I_0$ ,  $P(0) = P_0$ ,  $T(0) = T_0$ , dan  $A(0) = A_0$ .

Untuk menyederhanakan model tersebut, diasumsikan pasien wanita penderita AIDS dan juga dalam kompartemen *Pre-AIDS* terisolasi dan tidak aktif secara seksual. Oleh sebab itu, mereka tidak mampu untuk menghasilkan anak, dengan kata lain  $(1 - \varepsilon)\theta P = (1 - \delta)\theta A = 0$ . Selain itu, mereka diasumsikan tidak berkontribusi dalam penyebaran viral RNA secara horisontal, dengan kata lain  $\beta_2$  dan  $\beta_4$  dapat diabaikan. Dimisalkan pula  $\mu = \mu_1 = \mu_2 = \mu_3 = \mu_4$  (Naresh dkk., 2006).

Dengan melihat asumsi diatas, maka kita dapat menuliskan sistem persamaannya menjadi :

$$\frac{dS}{dt} = \pi N - \frac{C_1 \beta_1 IS}{N} - \frac{C_3 \beta_3 TS}{N} - \mu S \quad (2.8)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{C_1 \beta_1 IS}{N} + \frac{C_3 \beta_3 PS}{N} - (\delta + \mu)I + (1 - \varepsilon) \quad (2.9)$$

$$\frac{dP}{dt} = \sigma_1 \delta I - (\gamma + \mu)P \quad (2.10)$$

$$\frac{dT}{dt} = \sigma_2 \delta I + m\gamma P + vA - (k + \mu)T \quad (2.11)$$

$$\frac{dA}{dt} = (1 - \sigma_1 - \sigma_2)\delta I + (1 - m)\gamma P + kT - (v + a + \mu)A \quad (2.12)$$

Populasi N dapat dirumuskan

$$N = S + I + P + T + A$$

$$\frac{dN}{dt} = \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dP}{dt} + \frac{dT}{dt} + \frac{dA}{dt}$$

dengan

N: Jumlah individu dalam populasi.

S: Jumlah individu yang sehat dan rentan terhadap penyakit.

I: Jumlah individu yang terinfeksi.

P: Jumlah individu yang terinfeksi dan dalam masa *Pre-AIDS*.

T: Jumlah individu yang terinfeksi dan dalam masa perawatan (*treatment*).

A: Jumlah individu yang terinfeksi *HIV* dan telah mengidap *AIDS*.

$\pi$ : Laju perekrutan kedalam populasi yang rentan.

C: Rata-rata banyaknya pasangan seksual per satuan waktu.

$\delta$ : Laju perpindahan virus dari individu yang terinfeksi.

$\beta$ : Laju interaksi individu rentan dengan individu yang terinfeksi penyakit yang dapat mengakibatkan penularan penyakit (kontak seksual).

$\theta$ : Laju kelahiran baru yang terinfeksi *HIV*.

$\varepsilon$ : Proporsi kelahiran baru yang terinfeksi *HIV* dan mati seketika ketika dilahirkan.

$\mu$ : Laju kematian kelas *susceptible*.

$\mu_1$ : Laju kematian kelas *Infected*.

$\mu_2$ : Laju kematian kelas *Pre-AIDS*.

$\mu_3$ : Laju kematian kelas *Treatment*.

$\mu_4$ : Laju kematian kelas *AIDS*.

$\alpha$ : Laju kematian yang disebabkan oleh *AIDS*.

$\sigma_1$ : Bagian dari  $\delta$  yang masuk ke dalam kelas *Pre-AIDS*.

$\gamma$ : Laju perpindahan dari kelas *Pre-AIDS* menuju kelas *AIDS*.

$\sigma_2$ : Bagian dari  $\delta$  yang masuk kedalam kelas perawatan (*treatment*).

$v$ : Laju perpindahan dari kelas *AIDS* menuju kelas perawatan (*treatment*).

$k$ : Laju perpindahan dari kelas perawatan (*treatment*) menuju kelas *AIDS*.

$m$ : Bagian dari  $\gamma$  yang mendapatkan perawatan (*treatment*).

## KESIMPULAN

Berdasarkan hasil analisis yang dilakukan, diperoleh kesimpulan sebagai berikut:

Pada model penyebaran virus HIV/AIDS terdapat dua titik kesetimbangan yaitu  $E_1 = (1, 0, 0, 0, 0)$  dan  $E_2 = (s^*, i^*, p^*, h^*, a^*)$ . Dengan menggunakan metode matriks generasi didapatkan nilai  $\mathcal{R}_0$ , yaitu:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{C_1 \beta_1 (\pi + \gamma) (\alpha \pi + \pi k + \pi^2 + \alpha k + \pi \gamma)}{\pi + \delta - (1 - \varepsilon) \theta (\pi + \gamma) (\alpha \pi + \pi k + \pi^2 + \alpha k + \pi \gamma)} + \frac{C_3 B_3 (\sigma_2 \pi^2 + \sigma_2 \pi \alpha + \sigma_2 \pi \gamma + \sigma_2 \alpha \gamma + \sigma_1 \pi m \gamma + \sigma_1 m \gamma \alpha + v \pi + v \gamma + \sigma_1 v \pi) \delta}{\pi + \delta - (1 - \varepsilon) \theta (\pi + \gamma) (\alpha \pi + \pi k + \pi^2 + \alpha k + \pi \gamma)}$$

Ketika  $\mathcal{R}_0 < 1$  maka titik kesetimbangan bebas penyakit ( $E_1$ ) stabil atau tidak terjadi endemik, dan ketika  $\mathcal{R}_0 > 1$  maka titik kesetimbangan endemik ( $E_2$ ) stabil atau terjadi endemik. Tingkat sensitivitas dari  $\mathcal{R}_0$  dipengaruhi oleh beberapa parameter. Nilai dari  $\mathcal{R}_0$  akan monoton turun ataupun monoton naik tergantung pada besar nilai parameter pasangan seksual ( $C$ ) dan kontak seksual ( $\beta$ ) pada kompartemen  $i$  dan kompartemen  $h$ . Sehingga untuk mereduksi penyebaran virus HIV/AIDS, parameter yang harus dikendalikan adalah parameter pasangan seksual ( $C$ ) dan juga laju interaksi kontak seksual ( $\beta$ ).

## DAFTAR PUSTAKA

1. Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P., Metz, J. A. J. 1990. On the definition and the computation of the basic reproduction ratio  $\mathcal{R}$  in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *J. Math. Biol.*, Vol. 28, pp. 365-382.
2. Castillo-Chaves, C., Feng, Z., Huang, W. 2002. On the computation of  $\mathcal{R}_0$  and its role on global stability. The IAM volume in Mathematics and its Application. Vol. 125, pp. 229-251.
3. Narasimhamurthy, B. D. M. B., Leelavathy, K. M. B. 2012. Mathematical model approach to HIV/AIDS transmission from mother to child. *IJSTR*. Vol. 1, ISSUE 9.
4. Wang, J., Liang, B. 2011. Progress on research for the treatment of HIV/AIDS with traditional chinese medicine in China. *World journal of AIDS*. Vol. 1, pp. 104-109.

5. Fred, B., Castillo-Chaves, C., 2000, *Mathematical models in population biology and epidemiology*, Springer, Vancouver, B.C., Canada.
6. National AIDS Control Organisation, Ministry of Health and Family Welfare. 2007. Guidelines for HIV Testing.
7. Anderson, R.M., Medly G.F., May R.M., Johnson, A.M 1998, A preliminary study of the transmission dynamics of the human immunodeficiency virus (HIV), the causative agent of AIDS, IMA J. Math. Appl. Med. Biol. Vol. 3, pp. 229-263.
8. HIV transmission and Prevention. Policy Fact. AVERT (2016). Sumber : <http://www.avert.org/hiv-transmission-prevention>. Diakses 06 Januari 2016.
9. Antiretroviral treatment for HIV. Policy Fact. AVERT(2016), HIV treatment. Sumber : <http://www.avert.org/living-with-hiv/antiretroviral-treatment>. Diakses 06 Januari 2016.
10. WHO, 2015. HIV/AIDS. Sumber : <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs360/en/>. Diakses 06 Januari 2016.

